

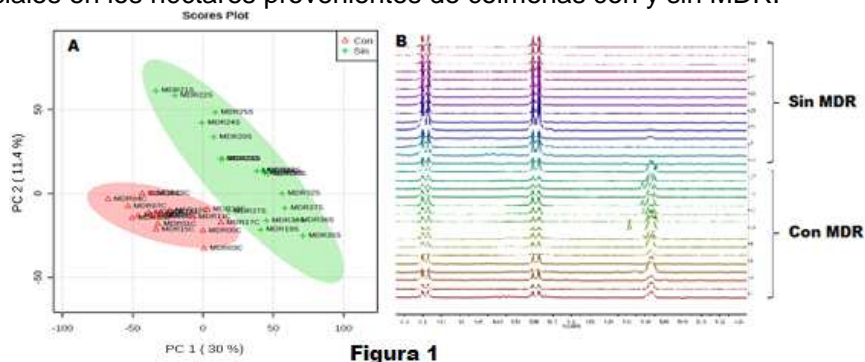
## Avances en la caracterización química de factores potencialmente asociados al Mal del Río en abejas melíferas

Lucía Almeida<sup>1</sup>, Ciro Invernizzi<sup>2</sup>, Alejandra Rodríguez<sup>3</sup>, Andrés López<sup>4</sup>, Guillermo Moyna<sup>4</sup> y Carmen Rossini<sup>1</sup>.

1-Laboratorio de Ecología Química, Departamento de Química Orgánica, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; 2- Sección Etología, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; 3- Laboratorio de Química Bioanalítica, Instituto Polo Tecnológico de Pando, Facultad de Química, Universidad de la República; Canelones, Uruguay; 4- Departamento de Química del Litoral, Centro Universitario Región Litoral Norte, Universidad de la República, Paysandú, Uruguay.

[lalmeidak@fq.edu.uy](mailto:lalmeidak@fq.edu.uy)

El Mal del Río (MDR), un problema que mata a las larvas recién eclosionadas de las abejas melíferas, se presenta en colonias próximas a los ríos y arroyos de las cuencas de los ríos Uruguay, Negro y Cuareim [1]. Por trabajos anteriores se sabe que las causas de la muerte son ambientales y trazables a la alimentación de las larvas [2]. Estos resultados permitieron postular la hipótesis de que existe o un tóxico o una calidad nutricional deficiente en los néctares de las colonias con MDR. Este trabajo presenta los primeros resultados de los análisis químicos realizados para caracterizar dichos néctares y compararlos con néctares de colonias sanas. Se realizaron extracciones seriadas con disolventes de polaridad creciente y se analizaron estos extractos o por cromatografía de masas acoplada a espectrometría de masas (GCMS para extractos de volátiles) o por resonancia magnética nuclear (RMN de extractos en D<sub>2</sub>O). Los datos obtenidos se analizaron en forma masiva en un acercamiento del tipo metabolómico (*untargeted*). Los análisis no evidenciaron grandes diferencias globales entre los extractos analizados por GCMS. Para los extractos analizados por RMN (N = 18/grupo), se generó una matriz de 36 (muestras) x 8459 (bins) (alineado por zonas, binning de 0.001, normalización por masa extraída y muestra, transformación de datos y autoescalado). El análisis de componentes principales (PCA) ya permitió detectar un agrupamiento entre néctares de colonias afectadas diferencial al agrupamiento de los néctares de colonias sanas (**Figura 1A**, PC1 30%, PC2 11 %, PC3 9%). Posteriormente, se analizó la matriz de datos correspondientes a corrimientos superiores a 5 ppm. Los resultados preliminares de estos análisis vuelven a mostrar un agrupamiento similar trazable a los desplazamientos correspondientes a los rangos de señales en 7.1, 6.5 y 6.8 ppm, lo cual puede visualizarse en las trazas de los espectros de H<sup>1</sup>-RMN (**Figura 1B**). Estos resultados indicarían la presencia de compuestos diferenciales en los néctares provenientes de colmenas con y sin MDR.



Los autores agradecen a INIA: Programa FPTA 2012 y al Programa CSIC-grupos.

[1] Mendoza Y. *et al.* Mal del Río o Mal de Santa Lucía. *Actualidad Apícola* 2012; 94, 8-9. [2] Invernizzi C. *et al.* *Epormenis cestri* (Hemiptera, Flatidae) secretions in *Sebastiania schottiana* trees cause mass death of honeybees larvae in Uruguay, enviado para su publicación, 2017.